

Lettre d'information

Cette lettre d'information est destinée aux membres des équipes utilisant la plate-forme Genotoul-Bioinfo. Elle a pour but de répondre aux questions et commentaires que vous nous avez fait remonter via le questionnaire de satisfaction annuel et de vous parler des évolutions de l'équipe, les nouveaux outils, services, conditions d'utilisation, projets et formations mis en place.



Arrêt de production

Nous prévoyons un arrêt de production pour maintenance préventive les 13 et 14 janvier 2025.

Il s'agira de faire les mises à jour de sécurité comme chaque année à cette époque. Le cluster sera inaccessible durant ces 2 jours.



Webinaire d'introduction

Vous souhaitez utiliser le cluster Genotoul-Bioinfo mais vous n'avez pas le temps de vous former ? Faites une première analyse en 1h30 !

Nous vous proposons un petit tutoriel en visio-conférence pour apprendre les bases de l'utilisation de notre cluster.

- *Date* : le 15 octobre à 13h30
- *Lien visio* : (nous contacter)
- *Prérequis* :

vos identifiants de la plate-forme (login et mot de passe),

si vous utilisez Windows, installez MobaXterm

- *Support de formation* :

<https://genotoul-bioinfo.pages.mia.inra.fr/training-using-resources>

Evolutions de l'infrastructure

Extension de l'espace disque work

Cet été, nous avons doublé l'espace disque /work sur genobioinfo et son cluster de calcul associé pour obtenir 4.5PB au total. Malheureusement cette extension a provoqué une panne (coupure de production) du 26/06 au 03/07 (8 jours). Le matériel incriminé a été remplacé.

Si vous avez des demandes d'espaces disques projet d'ici la fin de l'année, nous vous invitons à le faire rapidement car la clôture financière INRAE aura lieu exceptionnellement plus tôt cette année. Les factures internes sont d'ores et déjà impossibles, la facturation externe est possible jusqu'au 25 octobre maximum.

Evolution du serveur GPU

Pour une meilleure répartition / utilisation des ressources, la partition des cartes GPU a changé pendant l'été. Vous avez désormais à votre disposition 3 cartes A100 80GB non partitionnées, et 1 carte A100 80GB partitionnée de la sorte : 1 partition de 40GB, 1 partition de 20GB, et 2 partitions de 10GB.

Pour l'utiliser, il est nécessaire de faire une demande de ressources via [ce formulaire](#), puis de suivre les instructions sur notre FAQ ([Jobs submission](#) : « How tu use GPU node? »).

Evolution du serveur public_html

Le serveur web genoweb.toulouse.inra.fr a été arrêté **fin septembre 2024** comme prévu.

Le nouveau serveur web-genobioinfo.toulouse.inrae.fr est déjà en place et les adresses genoweb.toulouse.inra.fr et genoweb.toulouse.inrae.fr renvoient sur lui afin que les URLs déjà publiées restent fonctionnelles. Si vous rencontrez des difficultés, n'hésitez pas à demander du support : <https://bioinfo.genotoul.fr/index.php/ask-for/support/>



Réservation de cœurs sur le cluster

Nous remarquons souvent que les utilisateurs ne réservent pas assez de cœurs processeur (1 seul par défaut) sur le cluster de calcul alors que leur script en demande beaucoup plus (on parle de threads).

Ceci a pour conséquences de ralentir l'exécution des jobs car le serveur fait tourner l'ensemble des threads sur 1 seul cœur processeur (défaut).

La bonne pratique est donc de réserver autant de cœurs avec SLURM que de threads demandés par votre job. Pour le connaître il faut se référer à la documentation associée au logiciel que vous utilisez.

Pour réserver le nombre de cœurs souhaité, une option SLURM est disponible :

```
-c,          --cpus-per-task=<ncpus>
```

Nous avons jusqu'à 128 cœurs par nœud de calcul.



Prochain cycle d'apprentissage

Nous avons récemment annulé nos cycles d'apprentissage faute d'un nombre suffisant de participants. Nous vous proposons actuellement la session dont l'objectif est de vous apprendre à lancer efficacement les workflows de nf-core sur notre cluster. Ce sera le 12 novembre prochain dans nos locaux.

Toutes les informations et le formulaire d'inscription sont disponibles ici :

<https://bioinfo.genotoul.fr/index.php/vents/how-to-run-a-nf-core-nextflow-workflow-on-genotoul-2/>

De nouveaux collègues sur la plateforme !

Nous avons eu la chance d'accueillir dernièrement trois nouveaux collègues en mobilité.

Florent Blaise est arrivé en décembre pour nous aider sur l'administration du cluster de calcul. Vous avez remarqué que nous répondions plus rapidement à vos sollicitations ? C'est grâce à lui !

Philippe Ruiz nous a rejoints en juin, et il travaillera sur la mise au point de pipe-lines (comme [metagWGS](#), par exemple). Ses compétences en statistique nous seront également très utiles.

Enfin, Fabien Graziani est arrivé en septembre. Il nous aidera sur la partie "analyses et développements", c'est-à-dire potentiellement sur vos projets (nous contacter via notre formulaire [Ask for / Project](#) pour nous solliciter en tant que partenaire de vos projets de recherche). Venant d'un autre secteur d'activité, il est encore en montée de compétences, il montera donc en charge progressivement.

Par ailleurs, nous avons également accueilli Alexis Mergez et Adela Pouban-Couzardot en CDD sur le projet ciblé "BReIF" du PEPR "Agroécologie & Numérique". Ils nous aident sur des pipelines d'assemblage et d'annotation de génomes, ainsi que de création et validation de graphes de pangénomes. Martin Racoupeau (CDD également) s'est investi dans le projet ANR SymWay, pour l'assemblage et l'annotation d'*Aeschynomene*.

Vous pouvez trouver l'ensemble du personnel de l'équipe sur cette page :

<https://bioinfo.genotoul.fr/index.php/about-us/contact-us/>

Vers JOBIM 2025 ...

Fin juin dernier, certains d'entre nous avons participé à l'organisation de JOBIM 2024 à Toulouse. Vous êtes venus nombreux à cet événement annuel de la bioinformatique et de la biostatistique francophone et nous vous en remercions.

Le programme était riche, vous trouverez tous les résumés ici : <https://easychair.org/smart-program/JOBIM2024/>

La SFBI (Société Française de Bioinformatique) a d'ores et déjà annoncé que le prochain JOBIM se déroulera à Bordeaux du 8 au 11 juillet 2025. Save the date !

Nous espérons vous y retrouver.



Projet cofinancé par le Fonds Européen de Développement Régional
Financement dans le cadre de la réponse de l'Union à la pandémie de COVID-19

@BioinfoGenotoul
<http://bioinfo.genotoul.fr>
@BioinfoGenotoul (X ex-twitter)
<http://bioinfo.genotoul.fr>